



## **Diversidad Genética, Relaciones Ancestrales y Consenso entre Genotipo y Fenotipo de Clones de Banana (*Musa Acuminata*) de Productores de Formosa, Argentina.**

José L. Ermini<sup>1</sup>, Gerardo Tenaglia<sup>2</sup> & Guillermo R. Pratta<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnica (CONICET), Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). <sup>2</sup> Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Pequeña Agricultura Familiar Región NEA (INTA-IPAF).

[joseluis.ermi@unr.edu.ar](mailto:joseluis.ermi@unr.edu.ar)

La provincia de Formosa, ha promovido el cultivo del banano. La adaptación natural a esta región subtropical y la selección artificial practicada por los agricultores generaron una amplia biodiversidad de los clones de banano del tipo Cavendish (AAA), cuya base molecular es desconocida. La variación genética de los clones alotriploides y autotriploides fue medida por marcadores moleculares tipo AFLP. Los clones fueron evaluados para caracteres vegetativos y reproductivos. Cuatro variedades autotriploides AAA (Willians, Gran Enano, Jaffa y Gal Azul) fueron utilizadas como testigos. El análisis de AMOVA pudo discriminar entre los clones alotriploides, autotriploides y los testigos. El análisis de Red de Mínimo Recorrido verificó que los clones fueron derivados de los testigos. El Análisis de **componentes principales** evaluó la diversidad genética, demostrando que el 31,7% de la variación total molecular es explicada por las tres primeras coordenadas principales. Los dos primeros **componentes principales** explicaron 78,8% de la variabilidad fenotípica total. El Análisis de Procrustes verificó un alto consenso (72%) entre la caracterización fenotípica y genotípica, sugiriendo que podían encontrarse supuestas asociaciones entre ambos conjuntos de datos. El 67.9% de la variación total fue explicada por los dos componentes principales en este último análisis. La técnica AFLP permitió discriminar clones alotriploides/autotriploides y resultó en un primer acercamiento en la asociación entre datos fenotípicos y genotípicos en estos recursos genéticos.

**Palabras clave:** AFLP; Caracterización Molecular; Análisis Multivariado; Procrustes.